

ISSN 1561-8323 (Print)
ISSN 2524-2431 (Online)

ФИЗИКА
PHYSICS

УДК 577.322.7+577.338+004.94
<https://doi.org/10.29235/1561-8323-2024-68-5-365-372>

Поступило в редакцию 16.08.2024
Received 16.08.2024

**У. В. Потапова¹, С. И. Феранчук, А. В. Батяновский²,
Д. С. Матусков¹, И. Д. Феранчук³**

¹Белорусский государственный технологический университет, Минск, Республика Беларусь

²Объединенный институт проблем информатики Национальной академии наук Беларуси,
Минск, Республика Беларусь

³Белорусский государственный университет, Минск, Республика Беларусь

**КВАНТОВАЯ ЗАПУТАННОСТЬ В ПАРЕ ИОНОВ ЦИНКА
РНК-ЗАВИСИМОЙ РНК-ПОЛИМЕРАЗЫ ФЛАВИВИРУСОВ И ЕЕ РОЛЬ
В РЕАКЦИИ ПОЛИМЕРИЗАЦИИ**

(Представлено членом-корреспондентом А. В. Тузиковым)

Аннотация. Белок полимеразы флавивирусов в процессе реакции полимеризации претерпевает структурные изменения. Белок содержит два атома цинка, каждый из которых координируется четырьмя аминокислотами белка. Рассмотрена возможность квантового перехода в атомах цинка. Показано, что в силу квантовой запутанности этот переход происходит совместно в обоих атомах. С помощью моделирования молекулярной динамики показано, что малые возмущения структуры, связанные с совместным переходом атомов цинка, приводят к изменениям третичной структуры полимеразы. Обсуждается возможность обозначенного явления в других цинксодержащих белках.

Ключевые слова: полимеразы флавивирусов, цинксодержащие белки, структурная роль цинка, квантовая запутанность, молекулярная динамика

Для цитирования. Квантовая запутанность в паре ионов цинка РНК-зависимой РНК-полимеразы флавивирусов и ее роль в реакции полимеризации / У. В. Потапова [и др.] // Докл. Нац. акад. наук Беларуси. – 2024. – Т. 68, № 5. – С. 365–372. <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2024-68-5-365-372>

**Ulyana V. Potapova¹, Sergey I. Feranchuk, Alexander V. Batyanovskii²,
Dmitry S. Matuskov¹, Ilya D. Feranchuk³**

¹Belarusian State Technological University, Minsk, Republic of Belarus

²United Institute of Informatics Problems of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Republic of Belarus

³Belarusian State University, Minsk, Republic of Belarus

**QUANTUM ENTANGLE IN A ZINC ION PAIR OF RNA-DEPENDENT RNA POLYMERASE OF
FLAVIVIRUSES AND ITS ROLE IN THE POLYMERIZATION REACTION**

(Communicated by Corresponding Member Aleksandr V. Tuzikov)

Abstract. The flavivirus polymerase protein undergoes structural changes during the polymerization reaction. The protein contains two zinc atoms, each of which is coordinated by four amino acids of the protein. The possibility of a quantum transition in zinc atoms is considered. It is shown that due to quantum entanglement this transition occurs jointly in both atoms. Using molecular dynamics modeling, it is shown that small perturbations of the structure associated with the joint transition of zinc atoms lead to structural changes in the polymerase. The prevalence of this phenomenon on other zinc-containing proteins is discussed.

Keywords: flavivirus polymerase, zinc proteins, structural role of zinc, quantum entanglement, molecular dynamics

For citation. Potapova U. V., Feranchuk S. I., Batyanovskii A. V., Matuskov D. S., Feranchuk I. D. Quantum entangle in a zinc ion pair of RNA-dependent RNA polymerase of flaviviruses and its role in the polymerization reaction. *Doklady Natsional'noi akademii nauk Belarusi = Doklady of the National Academy of Sciences of Belarus*, 2024, vol. 68, no. 5, pp. 365–372 (in Russian). <https://doi.org/10.29235/1561-8323-2024-68-5-365-372>

Введение. В последнее время изучение явлений, связанных с квантовыми процессами в биологических процессах, – квантовая биология, привлекает большое внимание [1]. В настоящей работе показано, что квантовые эффекты могут влиять на стабильность и конформационные изменения белковых структур.

Биологические молекулы состоят, как из кирпичиков, из повторяющихся органических соединений, в белках это 20 типов аминокислот. Помимо этого, многие белки включают как неотъемлемую часть атомы тяжелых металлов, соединенных с аминокислотами координационными связями. Типы и положение атомов металлов уникальны для каждого белка. В силу богатства своего энергетического спектра и возможностей квантовых переходов на близкорасположенных уровнях, атомы металлов существенно расширяют спектр химических активностей в функциях белков.

Цинк занимает второе место после железа среди переходных металлов по участию в химических, структурных и регуляторных процессах живых систем [2]. Структурная роль цинка обусловлена его способностью переходить в четырехвалентное состояние, устанавливая на внешней орбитали четыре электрона в состоянии sp^3 -гибридизации.

Структурная роль цинка может состоять не только в поддержании стабильности белковой структуры, но и в модулировании ее перестроения, что показано на примере белка полимеразы флавивирусов (RdRp). Этот вирусный белок, достаточно большой по размеру (более 500 остатков), служит в жизненном цикле вируса для копирования вирусной РНК.

Атомы цинка достаточно часто встречаются в белках, причем в большинстве случаев цинк координируется четырьмя атомами белка [3–6]. По сравнению с цинком в неорганических соединениях, в четырехвалентном цинке два электрона переходят на 4р-орбиталь с 3d-орбитали, освобождая там две вакансии (рис. 1).

Про цинк в белках в этих случаях нельзя сказать, что он напрямую участвует в катализе каких-либо реакций. Роль цинка называют структурной. Четыре координационные связи служат для поддержания стабильности структуры белковой молекулы. Можно допустить возможность квантового перехода с 4р-орбитали на 3d-орбиталь, когда атом теряет одну из координационных связей.

В свободном атоме цинка конфигурация с четырьмя валентностями в состоянии sp^3 -гибридизации энергетически менее выгодна, чем состояние с двумя валентностями. Энергетическую щель можно примерно оценить переходом с длиной волны порядка 60 нм [7]. В окружении белковой глобулы эту величину оценить сложнее, можно предположить, что переход находится в диапазоне видимого света – теплового излучения.

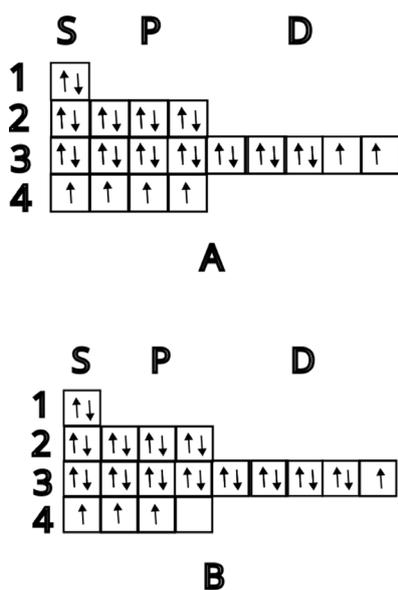


Рис. 1. Электронная конфигурация атома цинка в белке

Fig. 1. Electronic configuration of a zinc atom in a protein

Конформационные переходы полимеразы. RdRp, как домен, входящий в состав многофункционального белка NS5 (неструктурный белок 5), включает в себя два иона цинка и один ион магния. Роль RdRp – полимеризация цепи вирусной рибонуклеиновой кислоты (РНК). Подобно кисти руки, белок охватывает матричную цепь РНК и катализирует присоединение по одному из остатков строящейся цепи. Ион магния, расположенный непосредственно в активном центре полимеразы, осуществляет перенос электрона в процессе катализа присоединения остатка РНК к новой цепи. Ионы цинка расположены вне активного центра, на двух сторонах белка.

Кристаллическая структура домена RdRp была получена раньше, чем модель полноразмерного белка NS5 [3–5]. Вирус японского энцефалита (JEV) – организм, для которого была построена структура полноразмерного белка [6]. На этот момент было известно уже много структур домена полимеразы. В банке данных белковых структур они обозначены четырехбуквенным кодом.

Присутствие атомов цинка в полимеразе было выяснено на основании данных кристаллографии. Точные значения длин координационных связей каждого из атомов цинка варьируют от структуры к структуре (таблица).

Длины связей, в ангстремах, для двух атомов цинка и четырех координирующих остатков
Bond lengths, in angstroms, for two zinc atoms and four coordinating residues

PDB-код структуры PDB code of the structure	Связь между цинком и остатком The relationship between zinc and residue							
	1-1	1-2	1-3	1-4	2-1	2-2	2-3	2-4
2J7w	2,29 Asp1	1,99 His2	2,36 Cys3	2,14 Cys4	1,94 His1	2,02 His2	2,30 Cys3	2,12 Cys4
4k6m	1,99 Asp1	1,94 His2	2,21 Cys3	2,19 Cys4	2,22 His1	–	2,52 Cys3	2,38 Cys4
4hdg	2,01 Asp1	2,02 His2	2,12 Cys3	2,13 Cys4	2,13 His1	–	2,09 Cys3	1,98 Cys4
4v0r	2,26 Asp1	2,11 His2	2,46 Cys3	2,20 Cys4	2,38 His1	–	2,44 Cys3	2,42 Cys4

Согласованный квантовый переход в атомах цинка. Рассмотрим возможность квантового перехода в каждом из атомов цинка на свободные вакансии на d-орбитали. Упростим задачу до модельной, когда каждый из атомов цинка представлен двухуровневой системой. Длина волны излучения при квантовом переходе в атоме цинка много больше размеров белка. Мы предполагаем, что в силу квантовой запутанности есть связь между квантовыми переходами обоих атомов и синхронное перестроение длин связей в обоих атомах ведет к перестроению структуры всего белка.

В принятом предположении взаимодействие двух атомов цинка с электромагнитным полем описывается модельным гамильтонианом Тэвиса–Каммингса [8] (используется система единиц с $\hbar = c = 1$)

$$H = \omega[1/2(\sigma_3^1 + \sigma_3^2) + f(\sigma_1^1 + \sigma_1^2)(a + a^+) + a^+ a] - i\gamma/2,$$

где $\sigma_i^{1,2}$ – матрицы Паули, действующие в пространстве состояний первого и второго атомов; a, a^+ – операторы рождения и уничтожения квантов поля; f – безразмерная константа связи атомов и поля; $f = e_0 |d_{12}| \sqrt{\frac{2\pi}{\omega V}}$; e_0 – заряд электрона; d_{12} – дипольный матричный элемент перехода атома между конфигурациями; $V = l^3$ – область локализации резонансного электромагнитного поля, которая определяется объемом молекулы протеина; $\gamma = \frac{2}{3} e_0^2 \omega^3 |d_{12}|^2$ – радиационная ширина линии спонтанного перехода между конфигурациями; ω – частота резонансного квантового поля.

Спектр нижележащих состояний гамильтониана при малых f , согласно [9], определяется основным состоянием и двумя возбужденными состояниями, которые являются перепутанными (симметричным и антисимметричным)

$$\Psi_0 = \chi_{\downarrow}^1 \chi_{\downarrow}^2 |0\rangle, E_0 \approx (-1 + 4f^2)\omega,$$

$$\Psi_{\pm} = \frac{1}{2}(\chi_{\downarrow}^1 \chi_{\uparrow}^2 \pm \chi_{\uparrow}^1 \chi_{\downarrow}^2) |0\rangle, E_{\pm} \approx -4f^2\omega, E_{-} = 0,$$

где спинор $\chi_{\downarrow}^{1,2}$ соответствует основному состоянию атомов; $\chi_{\uparrow}^{1,2}$ – возбужденному состоянию.

Перепутанность приводит к коррелированной эволюции обоих атомов. Действительно, предположим, что в момент времени $t = 0$ в результате тепловой флуктуации или внешнего воздействия первый атом перешел в состояние с конфигурацией В (рис. 1). Дальнейшая эволюция системы определяется разложением по стационарным состояниям

$$\Psi(t) = C_1 \psi_+ e^{(-iE_+ t)} + C_2 \psi_- e^{(-iE_- t)}.$$

Из начального условия $\Psi(0) = \psi_-$ и условия нормировки находим $C_1 = C_2 = 1/\sqrt{2}$, эволюция определяется уравнением $\Psi(t) = e^{(-\gamma t)} / \sqrt{2} (\psi_+ e^{(-i4f^2 \omega t)} + \psi_-)$. Вычислим вероятности обнаружить первый и второй атом цинка в 3-валентном состоянии

$$P_1^\uparrow = e^{-\gamma t} \cos^2(2f^2 \omega t), \quad P_2^\uparrow = e^{-\gamma t} \sin^2(2f^2 \omega t).$$

Используя определение f , находим, что за время жизни $\tau = 1/\gamma$ атомов в возбужденных состояниях эти вероятности равны

$$P_1^\uparrow = 1/e \cos^2(Q), \quad P_2^\uparrow = 1/e \sin^2(Q), \quad Q \approx (\lambda/l)^3 \gg 1,$$

где λ – длина волны излучения при переходе иона цинка в невозбужденное состояние.

В пренебрежении быстро осциллирующими слагаемыми их можно считать одинаковыми и равными $1/(2e)$. Таким образом, квантовый переход одного атома цинка индуцирует переход во втором атоме.

Расчет конформационных переходов полимеразы. Молекула полимеразы сходна с кистью руки, в центр входит шаблон РНК и осуществляется синтез второй цепи. В процессе полимеризации молекула претерпевает циклические конформационные переходы, когда кисть руки слегка приоткрывается. Допустив, что квантовый переход в атомах цинка модулирует этот конформационный переход, напрямую обнаружить его в молекулярно-динамическом эксперименте затруднительно. Для выявления такого механизма был проведен вычислительный эксперимент, где жесткость длин связей в атомах цинка была выставлена форсировано высокой.

При моделировании белка методом молекулярной динамики с помощью пакета Amber [10] длины связей в каждой из аминокислот задаются приложенным к пакету набором параметров, называемых «силовым полем». Помимо длин связей, силовое поле включает величины плоских и двугранных углов, и константы упругости для длин связей и углов.

Представленные ниже результаты получены на основе молекулярно-динамического эксперимента по структуре полноразмерного белка 4v0r. В эксперимент для расчетов включены атомы

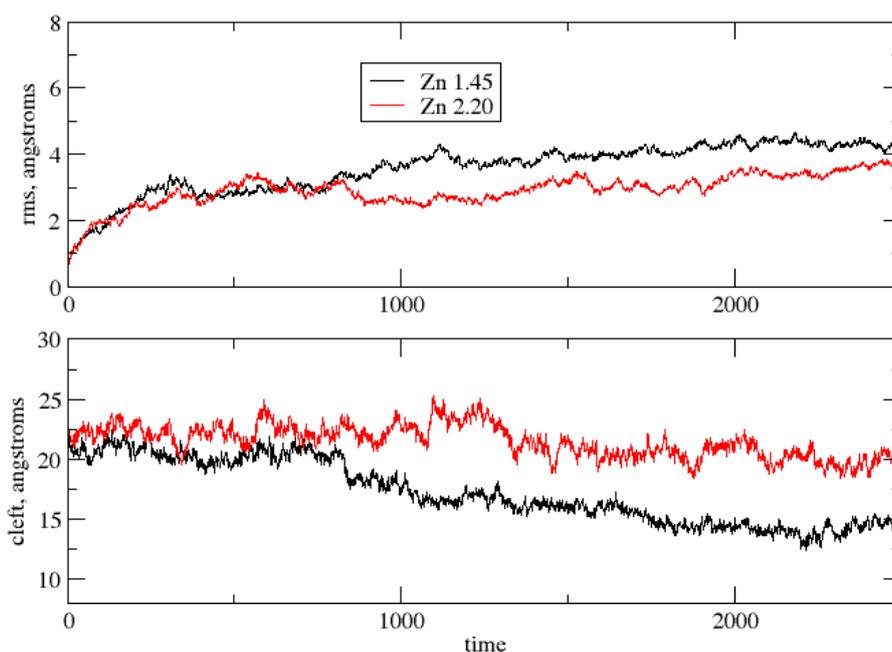


Рис. 2. Изменения среднеквадратичного отклонения и размера щели в зависимости от времени моделирования

Fig. 2. Changes in standard deviation and slot size as a function of simulation time

магния и цинка. Параметры силового поля для атомов металлов требовалось явно задать при проведении эксперимента. Было проведено две серии расчетов. В одной серии длины всех четырех координационных связей были 2,2 Å («мягкие»), в другой – 1,45 Å («жесткие»).

Траектории молекулярной динамики показали относительную стабильность построенных структур, но форма полимеразы изменялась для структуры с длиной 1,45 Å («жесткая» длина связи). А именно, размер щели (cleft) для входа шаблона РНК сужался на протяжении времени динамики (рис. 2).

Изменение формы полимеразы проиллюстрировано на рис. 3.

Проведенный вычислительный эксперимент показал, что места связывания ионов цинка расположены так, что ионы цинка не только способствуют стабилизации структуры, но и выбору ее конформационного состояния в зависимости от параметров силового поля.

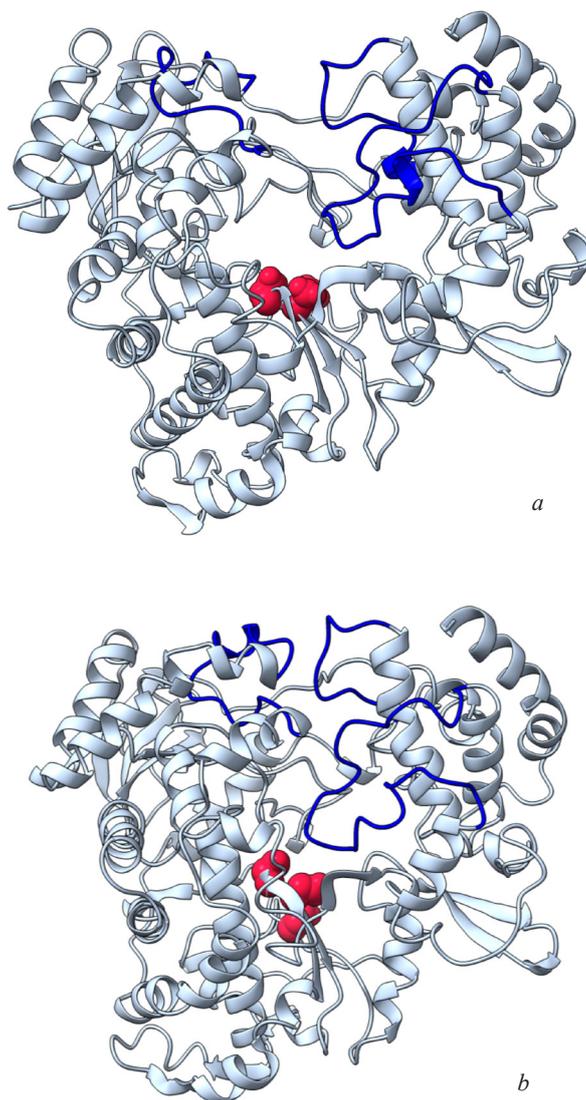


Рис. 3. Структура белка NS5 JEV после проведения 20 нс моделирования с различающимися параметрами силового поля для ионов цинка. Красным показана каталитическая триада репликации РНК, синим – вход в тоннель шаблона РНК: *a* – состояние, в котором тоннель открыт (большие длины координационных связей цинка); *b* – состояние, в котором тоннель закрыт (малые длины координационных связей цинка)

Fig. 3. Structure of the NS5 JEV protein after 20 ns simulations with varying force field parameters for zinc ions. The catalytic triad of RNA replication is shown in red, the entrance to the RNA template tunnel is shown in blue: *a* – the state in which the tunnel is open (large lengths of zinc coordination bonds); *b* – the state in which the tunnel is closed (small lengths of zinc coordination bonds)

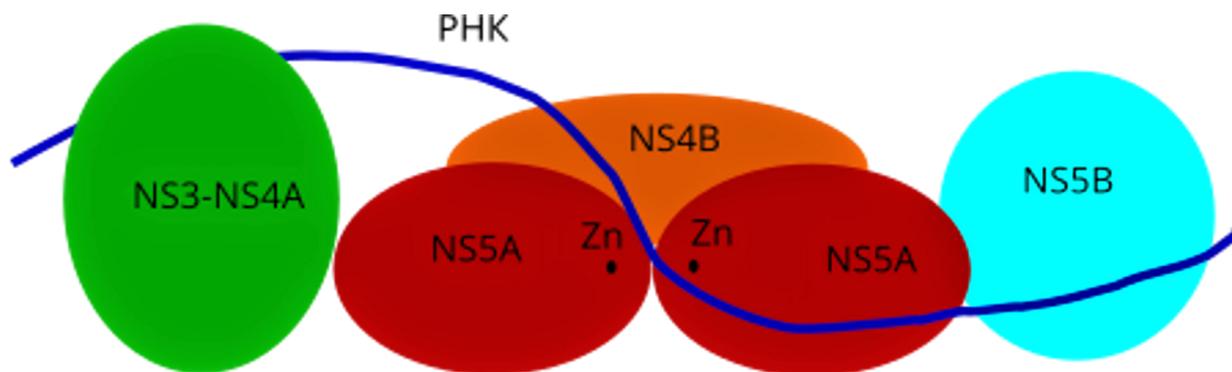


Рис. 4. Схема репликационного комплекса вируса гепатита С

Fig. 4. Schema of the hepatitis C virus replication complex

Обобщение роли цинка. При обсуждении полученных в работе результатов следует ответить на два вопроса. Первый – можно ли ожидать влияния ионов цинка в перестроении структуры других белков? Второй – что обуславливает квантовые переходы в атоме цинка?

Ответ на первый вопрос положительный. В частности, если предположить необходимость перестроения ионов цинка в процессе полимеризации РНК, в качестве еще одного примера можно рассмотреть репликационный комплекс вируса гепатита С, родственного флавивирусам [11].

В этой структуре сама полимеразы NS4B не связывает цинк, но по одному иону цинка находится в сопряженных белках NS5A (рис. 4). Перестроение ионов цинка, как можно допустить, также способствует конформационному изменению кармана связывания РНК, хотя и через другой механизм.

Среди многообразия других координирующих цинк белков выберем для иллюстрации класс транскрипционных факторов «zinc-finger», в изобилии присутствующих в геноме эукариот [12]. Ответим на вопрос, какие конформационные изменения мог бы модулировать находящийся в них ион цинка? Дело в том, что скорость функционирования транскрипционных факторов, чья задача состоит в связывании с цепью ДНК в нужном сайте, так велика, что для объяснения следует допустить, что у транскрипционных факторов есть две моды структуры – мода поиска, грубое приближение к сайту связывания, и мода распознавания, когда фермент узнает нужные остатки ДНК с должной точностью [13]. Перестроение между этими модами и может модулировать ион цинка.

Ответить на второй вопрос, а именно, что является причиной квантового перехода в атоме цинка, сложнее. Энергия перехода сравнима с энергией теплового движения молекул, поэтому переход может происходить спонтанно по причине смещений координирующих атомов белка. Но наличие двух атомов цинка в полимеразе флавивирусов, а также двух атомов цинка в транскрипционном комплексе вируса гепатита С, дает основания предположить наличие координации в переходе в нескольких атомах цинка. Координация перехода выше объяснена эффектом квантовой запутанности орбиталей атомов, осуществленной посредством электромагнитного поля.

Утверждение о проявлении эффекта квантовой запутанности при перестройке структуры можно подтвердить спектроскопическим исследованием изменения состояний атомов цинка. Подтверждение этой гипотезы предоставляет механизм, позволяющий прояснить роль квантовых эффектов в биологических системах в масштабах, намного превышающих размеры атомов.

Список использованных источников

1. Quantum biology / N. Lambert [et al.] // *Nature Phys.* – 2013. – Vol. 9. – P. 10–18. <https://doi.org/10.1038/nphys2474>
2. Гармаза, Ю. М. Цинк в живом организме: биологическая роль и механизмы действия / Ю. М. Гармаза, Е. И. Слобожанина. – Минск, 2021. – 189 с.
3. Crystal structure of the RNA polymerase domain of the West Nile virus non-structural protein 5 / H. Malet [et al.] // *J. Biol. Chem.* – 2007. – Vol. 282, N 14. – P. 10678–10689. <https://doi.org/10.1074/jbc.m607273200>

4. Crystal structure of the dengue virus RNA-dependent RNA polymerase catalytic domain at 1.85-angstrom resolution / T. L. Yap [et al.] // *J. Virol.* – 2007. – Vol. 81, N 9. – P. 4753–4765. <https://doi.org/10.1128/jvi.02283-06>
5. Crystal structure of the Dengue virus NS5 protein reveals a novel inter-domain interface essential for protein flexibility and virus replication / Y. Zhao [et al.] // *PLoS Pathog.* – 2015. – Vol. 11, N 3. – Art. e1004682. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1004682>
6. Lu, G. Crystal Structure of the full-length Japanese encephalitis virus NS5 reveals a conserved methyltransferase-polymerase interface / G. Lu, P. Gong // *PLoS Pathog.* – 2013. – Vol. 9, N 8. – Art. e1003549. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1003549>
7. Analytic model of a multi-electron atom / O. D. Skoromnik [et al.] // *J. Phys. B: At. Mol. Opt. Phys.* – 2017. – Vol. 50. – Art. 245007. <https://doi.org/10.1088/1361-6455/aa92e6>
8. Tavis, M. Approximate Solutions for an *N*-Molecule-Radiation-Field Hamiltonian / M. Tavis, F. W. Cummings // *Phys. Rev.* – 1969. – Vol. 188, N 2. – P. 692–695. <https://doi.org/10.1103/physrev.188.692>
9. Radiation-induced interaction potential of two qubits strongly coupled with a quantized electromagnetic field / I. D. Feranchuk [et al.] // *Phys. Rev. A.* – 2020. – Vol. 102, N 4. – Art. 043702. <https://doi.org/10.1103/physreva.102.043702>
10. The Amber biomolecular simulation programs / D. A. Case [et al.] // *J. Comput. Chem.* – 2005. – Vol. 26, N 16. – P. 1668–1688. <https://doi.org/10.1002/jcc.20290>
11. Gong, P. Structural basis for active site closure by the poliovirus RNA-dependent RNA polymerase / P. Gong, O. B. Peersen // *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* – 2010. – Vol. 107, N 52. – P. 22505–22510. <https://doi.org/10.1073/pnas.1007626107>
12. Klug, A. Zinc fingers: a novel protein fold for nucleic acid recognition / A. Klug, D. Rhodes // *Cold Spring Harb. Symp. Quant. Biol.* – 1987. – Vol. 52. – P. 473–482. <https://doi.org/10.1101/sqb.1987.052.01.054>
13. Iwahara, J. Speed-stability paradox in DNAscanning by zinc-finger proteins / J. Iwahara, Y. Levy // *Transcription.* – 2013. – Vol. 4, N 2. – P. 58–61. <https://doi.org/10.4161/trns.23584>

References

1. Lambert N., Chen Y. N., Cheng Y. C., Li C. M., Chen G. Y., Nori F. Quantum biology. *Nature Physics*, 2013, vol. 9, pp. 10–18. <https://doi.org/10.1038/nphys2474>
2. Garmaza Yu. M., Slobozhanina E. I. *Zinc in the living organism: biological role and mechanisms of action*. Minsk, 2021. 189 p. (in Russian).
3. Malet H., Egloff M. P., Selisko B., Butcher R. E., Wright P. J., Roberts M., Gruez A., Sulzenbacher G., Vonnrhein C., Bricogne G., Mackenzie J. M., Khromykh A. A., Davidson A. D., Canard B. Crystal structure of the RNA polymerase domain of the West Nile virus non-structural protein 5. *Journal of Biological Chemistry*, 2007, vol. 282, no. 14, pp. 10678–10689. <https://doi.org/10.1074/jbc.m607273200>
4. Yap T. L., Xu T., Chen Y. L., Malet H., Egloff M. P., Canard B., Vasudevan S. G., Lescar J. Crystal structure of the dengue virus RNA-dependent RNA polymerase catalytic domain at 1.85-angstrom resolution. *Journal of Virology*, 2007, vol. 81, no. 9, pp. 4753–4765. <https://doi.org/10.1128/jvi.02283-06>
5. Zhao Y., Soh T. S., Zheng J., Chan K. W., Phoo W. W., Lee C. C., Tay M. Y., Swaminathan K., Cornvik T. C., Lim S. P., Shi P. Y., Lescar J., Vasudevan S. G., Luo D. A crystal structure of the Dengue virus NS5 protein reveals a novel inter-domain interface essential for protein flexibility and virus replication. *PLoS Pathogens*, 2015, vol. 11, no. 3, art. e1004682. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1004682>
6. Lu G., Gong P. Crystal Structure of the full-length Japanese encephalitis virus NS5 reveals a conserved methyltransferase-polymerase interface. *PLoS Pathogens*, 2013, vol. 9, no. 8, art. e1003549. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1003549>
7. Skoromnik O. D., Feranchuk I. D., Leonau A. U., Keitel C. H. Analytic model of a multi-electron atom. *Journal of Physics B: Atomic, Molecular and Optical Physics*, 2017, vol. 50, art. 245007. <https://doi.org/10.1088/1361-6455/aa92e6>
8. Tavis M., Cummings F. W. Approximate Solutions for an *N*-Molecule-Radiation-Field Hamiltonian. *Physical Review*, 1969, vol. 188, no. 2, pp. 692–695. <https://doi.org/10.1103/physrev.188.692>
9. Feranchuk I. D., San N. Q., Leonau A. U., Skoromnik O. D. Radiation-induced interaction potential of two qubits strongly coupled with a quantized electromagnetic field. *Physical Review A*, 2020, vol. 102, no. 4, art. 043702. <https://doi.org/10.1103/physreva.102.043702>
10. Case D. A., Cheatham T. E., Darden T., Gohlke H., Luo R., Merz K. M. Jr., Onufriev A., Simmerling C., Wang B., Woods R. J. The Amber biomolecular simulation programs. *Journal of Computational Chemistry*, 2005, vol. 26, no. 16, pp. 1668–1688. <https://doi.org/10.1002/jcc.20290>
11. Gong P., Peersen O. B. Structural basis for active site closure by the poliovirus RNA-dependent RNA polymerase. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 2010, vol. 107, no. 52, pp. 22505–22510. <https://doi.org/10.1073/pnas.1007626107>
12. Klug A., Rhodes D. Zinc fingers: a novel protein fold for nucleic acid recognition. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantative Biology*, 1987, vol. 52, pp. 473–482. <https://doi.org/10.1101/sqb.1987.052.01.054>
13. Iwahara J., Levy Y. Speed-stability paradox in DNA-scanning by zinc-finger proteins. *Transcription*, 2013, vol. 4, no. 2, pp. 58–61. <https://doi.org/10.4161/trns.23584>

Информация об авторах

Потапова Ульяна Валерьевна – ассистент. Белорусский государственный технологический университет (ул. Свердлова, 13а, 220006, Минск, Республика Беларусь). E-mail: shuana1983@yandex.ru.

Феранчук Сергей Ильич – канд. физ.-мат. наук. E-mail: feranchuk@gmail.com.

Батяновский Александр Валерьевич – канд. физ.-мат. наук, ст. науч. сотрудник. Объединенный институт проблем информатики НАН Беларуси (ул. Сурганова, 6, 220012, Минск, Республика Беларусь). E-mail: alexandersn@newman.bas-net.by.

Матусков Дмитрий Сергеевич – студент. Белорусский государственный технологический университет (ул. Свердлова, 13а, 220006, Минск, Республика Беларусь). E-mail: dimamatuscob@gmail.com.

Феранчук Илья Давыдович – д-р физ.-мат. наук, профессор. Белорусский государственный университет (пр. Независимости 4, 220030, Минск, Республика Беларусь). E-mail: iferanchuk@gmail.com.

Information about the authors

Potapova Ulyana V. – Assistant. Belarusian State Technological University (13a, Sverdlov Str., 220006, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: shuana1983@yandex.ru.

Feranchuk Sergey I. – Ph. D. (Physics and Mathematics). E-mail: feranchuk@gmail.com.

Batyanovskii Alexander V. – Ph. D. (Physics and Mathematics), Senior Researcher. United Institute of Informatics Problems of the National Academy of Sciences of Belarus (6, Sarganov Str., 220012, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: alexandersn@newman.bas-net.by.

Matuskov Dmitry S. – Student. Belarusian State Technological University (13a, Sverdlov Str., 220006, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: dimamatuscob@gmail.com.

Feranchuk Ilya D. – D. Sc. (Physics and Mathematics), Professor. Belarusian State University (4, Nezavisimosti Ave., 220030, Minsk, Republic of Belarus). E-mail: iferanchuk@gmail.com.